

不同地区甜菜夜蛾种群的遗传多样性分析

牛成伟^{1,2}, 张青文¹, 叶志华^{1,3}, 罗礼智^{2,*}

(1. 中国农业大学农学与生物技术学院, 北京 100094; 2. 中国农业科学院植物保护研究所, 北京 100094;

3. 中国农业科学院科技管理局, 北京 100081)

摘要: 甜菜夜蛾 *Spodoptera exigua* (Hübner) 是一种重要的农业害虫, 曾给我国农牧业生产造成过重大的经济损失。为了阐明甜菜夜蛾的种群动态规律, 改善和提高其预测、防治水平, 我们应用扩增片段长度多态性 (AFLP) 技术对我国 7 个甜菜夜蛾种群的 42 头雄蛾的遗传多样性进行了研究分析。结果表明, 不同种群个体间遗传相似性指数分布在 0.143~0.824 之间, 同一种群内不同个体间的遗传相似性指数分布在 0.250~0.786 之间, 同一种群内个体间的遗传相似性指数有许多小于不同种群个体间的。江西种群的多态性条带比例最低, 为 80.7%; 山东种群的多态性条带比例最高, 达 88.6%。总体而言, 北方种群内的遗传多样性高于南方种群。聚类分析结果表明, 同一种群的个体并不总能聚在一起, 即种群间不存在明显的遗传分化。这些结果为明确我国甜菜夜蛾的迁飞规律及各发生危害区的虫源关系提供了进一步的实验依据。

关键词: 甜菜夜蛾; AFLP; 遗传多样性; 聚类分析; 地理种群; 迁飞

中图分类号: Q963 文献标识码: A 文章编号: 0454-6296(2006)06-0867-07

Analysis of genetic diversity in different geographic populations of the beet armyworm *Spodoptera exigua* (Lepidoptera: Noctuidae) with AFLP technique

NIU Cheng-Wei^{1,2}, ZHANG Qing-Wen¹, YE Zhi-Hua^{1,3}, LUO Li-Zhi^{2,*} (1. College of Agronomy and Biotechnology, China Agricultural University, Beijing 100094, China; 2. Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100094, China; 3. Science & Technology Management Department, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: The beet armyworm *Spodoptera exigua* (Hübner) is a serious insect pest and has caused serious economic losses in China in last decade. For further understanding the population dynamics and improving the forecast and control of this species, the DNA polymorphism of 7 geographic populations from various locations of mainland China was analyzed by using amplified fragment length polymorphism (AFLP) technique. The results showed that the maximum genetic similarity of *S. exigua* individuals between geographic populations was 0.824, and the minimum was 0.143; the maximum genetic similarity of *S. exigua* individuals within geographic populations was 0.786 and the minimum was 0.250. The genetic similarity of some samples within geographic populations was lower than that of some samples between geographic populations. The genetic diversity of Jiangxi population was the lowest (the proportion of polymorphic bands was 80.7%) and that of Shandong population was the highest (the proportion of polymorphic bands was 88.6%). The genetic diversity of *S. exigua* from northern areas was higher than that from southern areas on the whole. The results of cluster analysis showed that 42 individuals of 7 populations did not relate to the geographic locations where they were collected, suggesting that the genetic differentiation is not obvious in all the populations studied. The northward and southward migration by the adult beet armyworm is the most possible explanation for these

基金项目: 国家科技平台重点项目(2003DIA6N004); 国家“十五”攻关课题(2004DA509B0601); 国家“十五”科技计划专项(2002BA516A08-03)

作者简介: 牛成伟, 男, 1980年生, 山东泰安人, 硕士研究生, E-mail: nchw@tom.com

* 通讯作者 Author for correspondence, E-mail: lzluo@ippcaas.cn

收稿日期 Received: 2005-12-20; 接受日期 Accepted: 2006-07-13

results, since other direct or indirect evidences has shown that it is a true migrant species in the country.

Key words: *Spodoptera exigua*; AFLP; genetic diversity; cluster analysis; geographic population; migration

甜菜夜蛾 *Spodoptera exigua* (Hübner) (鳞翅目: 夜蛾科) 原产于南亚, 是一种热带昆虫。在我国, 其现在的发生危害已遍及 20 多个省、市和自治区, 并在 1997 和 1999 年相继在黄淮海地区暴发成灾, 造成了很大的经济损失(刘万才等, 1998; 罗礼智等, 2000)。甜菜夜蛾对高温的适应能力虽然较强, 但对低温度适应能力较弱(苏建亚, 1998)。在 0℃ 条件下, 耐寒能力最强的虫态(蛹)到 38 天便会死亡(江幸福等, 2001)。在北京以北的地区, 甜菜夜蛾不能越冬(江幸福等, 2001)。为此, 迁飞可能是甜菜夜蛾逃避低温及其他不良环境的生存对策, 并且也是其能够暴发成灾的主要原因。在国外, 已经明确甜菜夜蛾是夜蛾科中迁飞距离最远的昆虫(French, 1968; Johnson, 1969)。我国就甜菜夜蛾的越冬规律和越冬世代区划(江幸福等, 2001), 飞行能力与主要环境生理因子的关系(江幸福等, 1999, 2002; Feng *et al.*, 2003)及迁飞行为(Feng *et al.*, 2003)等进行过研究的结果, 以及其他对甜菜夜蛾发生危害规律(王睿文等, 1997)和抗药性(王睿文等, 1997; 陈丙坤等, 2002; 王开运等, 2002)进行调查研究的成果也证明甜菜夜蛾可能是一种迁飞害虫。但由于这些证据或者是来自于室内(江幸福等, 1999, 2002), 或者比较间接(王睿文等, 1997; 江幸福等, 2001; 陈丙坤等, 2002; 王开运等, 2002), 或者比较局限(Feng *et al.*, 2003), 甜菜夜蛾是否迁飞尚需更多更直接的证据。关于甜菜夜蛾迁飞规律或途径及各主要发生危害区的虫源关系目前都没有见到报道, 从而给甜菜夜蛾的预测防治造成了很大困难(罗礼智等, 2000)。

为了阐明甜菜夜蛾的迁飞规律, 并为改善和提高甜菜夜蛾的预测预报和监控技术水平提供科学依据, 我们应用扩增片段长度多态性分析(AFLP)技术对我国甜菜夜蛾主要发生危害区 7 个种群的遗传多样性进行了探索研究。选择该种技术的主要理由是: 甜菜夜蛾的发生危害范围较广, 应用传统的标记-释放-回收技术的难度较大; AFLP 技术是近年发展出来的一种新的 DNA 指纹分析技术(Zabeau and Vos, 1993), 具有经济简便、多态检出率高、重复性好和结果可靠等优点(Vos *et al.*, 1995; Mueller *et al.*, 1999); AFLP 技术已广泛应用于动植物的遗传多样性、品种鉴定、基因定位和遗传多样性等方面(Maughan *et al.*, 1996; Reineke *et al.*, 1999; Bohn *et*

al., 1999; 朱玉芳等, 2001; 鲁成等, 2002; 张民照和康乐, 2002)。应用 AFLP 技术对不同地理种群舞毒蛾(Reineke *et al.*, 1999), 对野桑蚕和家蚕(鲁成等, 2002)及烟粉虱(Cervera *et al.*, 2000; 张丽萍等, 2004)的分析都取得了重要进展。这为应用 AFLP 技术分析甜菜夜蛾种群的遗传多样性研究提供了重要的科学依据和思路; 应用 AFLP 技术研究甜菜夜蛾地理种群遗传多样性不仅可以揭示甜菜夜蛾不同地理种群间的遗传关系, 而且还可以为探讨甜菜夜蛾各主要危害区的虫源关系提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 实验材料

甜菜夜蛾样品采自我国 7 个地区: 海南海口、江西南昌、四川成都、湖北武汉、河南郑州、山东泰安和北京(表 1)。这些地区都是我国甜菜夜蛾的主要发生危害区(江幸福等, 2001)。采集点南北最大纬度差约 20 度, 距离 2000 多公里, 东西最大经度差约为 13 度。甜菜夜蛾的采集应用性信息素诱捕法, 诱芯由中国科学院动物研究所提供。将采集到的雄性成虫置于冰壶内带回实验室, -70℃ 冰箱保存备用。采集时间从 2004 年 8 月 17 日起到 9 月 15 日止, 为期约 1 个月(表 1)。

1.2 DNA 的提取

采用异丙醇沉淀法提取单头甜菜夜蛾成虫 DNA。采用美国 PROMEGA 公司生产的从组织培养细胞和动物组织中提取 DNA 试剂盒, 操作步骤按 Kit 说明进行。采用琼脂糖凝胶电泳检测样品 DNA 的浓度和纯度。

1.3 AFLP 分析

1.3.1 酶切与连接 在 1.5 mL 离心管中, 加入 Y + tangTM10 × buffer 10 μL, *EcoR* I (12 U/μL) 0.5 μL, *Mse* I (10 U/μL) 0.5 μL, 样品 DNA 约 500 ng, 用 ddH₂O 补充至 50 μL。酶切液混匀后, 在 37℃ 温浴 3h。在上述酶切之后 50 μL 体系中, 加入 10 μL 如下的连接体系: T4DNA Ligase buffer (含 ATP) 2 μL, *EcoR* I adapter (5 pmol/μL) 1 μL, *Mse* I adapter (50 pmol/μL) 1 μL, T4DNA Ligase (5 U/μL) 0.4 μL (以上试剂均为 Promega 公司产品), ddH₂O 5.6 μL, 轻轻混匀, 置于室温反应 12 h。

表 1 所测试甜菜夜蛾种群的采集地点和时间

Table 1 Collecting dates and locations of the adult populations of <i>S. exigua</i> in China						
采集地 Collecting location	种群代码 Population code	经度 Longitude		纬度 Latitude		采集时间 Collecting date
北京 Beijing	BJ	116°28	E	39°54	N	2004.8.25 – 9.15
山东泰安 Taian , Shandong	SHD	117°06	E	36°15	N	2004.9.11 – 9.13
河南郑州 Zhengzhou , Henan	HeN	113°42	E	34°44	N	2004.9.1 – 9.3
湖北武汉 Wuhan , Hubei	HuB	114°20	E	30°37	N	2004.9.4 – 9.6
四川成都 Chengdu , Sichuan	SCH	104°04	E	30°39	N	2004.8.20
江西南昌 Nanchang , Jiangxi	JX	115°53	E	28°41	N	2004.9.7 – 9.10
海南海口 Haikou , Hainan	HaiN	110°10	E	20°03	N	2004.8.17

1.3.2 PCR 扩增 预扩增：采用具有 1 个选择性碱基的引物 ,该引物由上海生工生物工程技术服务有限公司(以下简称上海生工)提供。所用反应液由下列成份组成：10 × PCR buffer 2.5 μL , *Eco* R I 预扩增引物(50 ng/μL) 0.75 μL , *Mse* I 预扩增引物(50 ng/μL) 0.75 μL ,dNTP (10 mM each) 0.5 μL ,MgCl₂(25

mM) 1.5 μL ,Taq 酶(5 U/μL) 0.1 μL ,酶切反应液 5 μL ,用 ddH₂O 补充至总体积 25 μL ,轻轻的混匀 ,进行 PCR 扩增反应(德国产的 Eppender Mastercycler gradient PCR 反应仪) ,扩增程序为 94℃ 2 min ,然后以 94℃ 30 s 56℃ 30 s ,72℃ 60 s ,重复 30 个循环。

表 2 选择性扩增中使用的引物

Table 2 Primers used in the selective amplification			
引物序列 Primers – <i>Eco</i> R I sequence	G + C 含量(%) G + C content	引物序列 Primers – <i>Mse</i> I sequence	G + C 含量(%) G + C content
E111 GACTGCGTACCAATTCCAA	47.4	M111 GATGAGTCCTGAGTAAGAA	42.1
E112 GACTGCGTACCAATTCCAC	52.6	M112 GATGAGTCCTGAGTAAGAC	47.4
E113 GACTGCGTACCAATTCCAG	52.6	M113 GATGAGTCCTGAGTAAGAG	47.4
E114 GACTGCGTACCAATTCCAT	47.4	M114 GATGAGTCCTGAGTAAGAT	42.1

选择性扩增：以预扩增产物为模板 ,采用具有 3 个选择性碱基的引物(上海生工合成 ,引物序列见表 2) ,所用反应液由下列成份组成：10 × PCR buffer 2.5 μL , *Eco* R I 选择性扩增引物 (50 ng/μL) 0.75 μL , *Mse* I 选择性扩增引物(50 ng/μL) 0.75 μL , dNTP(10 mM each) 0.5 μL , MgCl₂(25 mM) 1.5 μL , Taq 酶(5 U/μL) 0.1 μL ,用 ddH₂O 补充至 25 μL ,轻轻混匀 ,按下列参数进行 PCR：94℃ 2 min ,然后以 94℃ 30 s ,65℃ 30 s (每循环降低 0.7℃) ,72℃ 60 s ,重复 12 个循环 ,再以 94℃ 30 s 56℃ 30 s ,72℃ 60 s 重复 30 个循环 ,72℃ 1 min 4℃保存。

1.4 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳

取选择性扩增的产物 4 μL ,与等体积的变性载样缓冲液混匀 ,95℃变性 3 min 后立即放在冰上冷却 ,6% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳 ,在电泳槽内 (BioRad Sequi-Gen GT Sequencing Cell)以 1 × TBE 为电泳缓冲液 ,恒功率 80 W 进行电泳 ,银染显色。

1.5 数据处理

每个样品的扩增条带按有或无进行记录。扩增

条带存在时记为 1 ,无带时则记为 0。所得数据根据 Nei 和 Li (1979)相似性指数计算样本间的遗传相似性。相似性指数的计算公式为：I = 2N_{xy} / (N_x + N_y) ,其中 N_x 为样本 X 存在的扩增带数 ,N_y 为样本 Y 存在的扩增带数 ,N_{xy} 为样本 X 和 Y 共同存在的扩增带数。用 NTSYS – PC(2.02k) (Rohlf , 1993)软件中的 SIMQVAL 程序计算相似性系数 ,并获得相似系数矩阵 ,用其中的 SAHN 程序和 UPGMA(unweighted pair group method with arithmetic means)方法进行聚类分析 ,并通过 Tree plot 生成聚类图。多态性条带比例 = 多态性扩增条带数/扩增总条带数。

2 结果与分析

2.1 扩增结果

用筛选所得的 4 组引物组合对 7 个种群 42 头雄成虫 DNA 进行扩增 ,共得到 580 条可分辨的 DNA 条带 ,其中由引物 E112&M112 组合扩增产生的 AFLP 指纹图谱如图 1 所示。

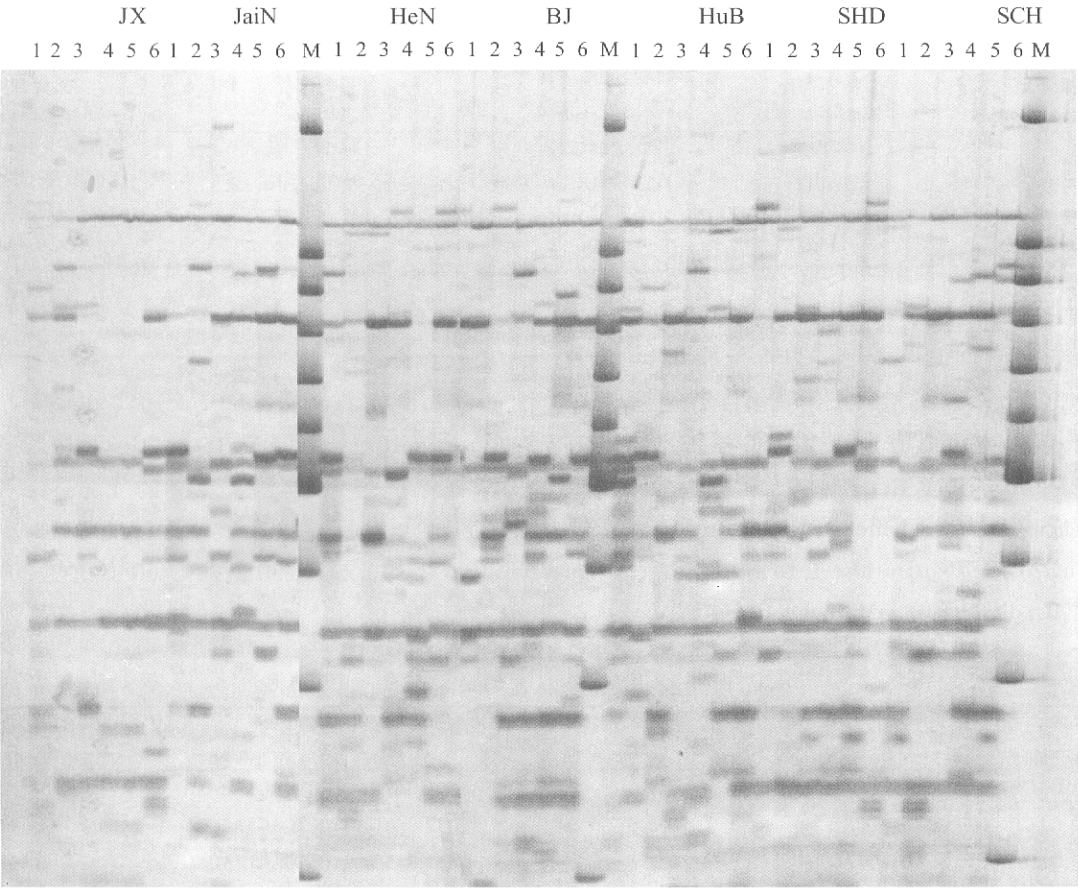


图 1 引物组合 E112&M112 扩增产生的 AFLP 谱带

Fig.1 The AFLP bands amplified by the primer combination E112 & M112.

M: λDNA; 从左到右分别是江西(JX)、海南(HaiN)、河南(HeN)、北京(BJ)、湖北(HuB)、山东(SHD)、四川(SCH)种群,每个种群测试 6 头雄蛾。The M represented λDNA, while JX, HaiN, HeN, BJ, HuB and SHD represented Jiangxi, Hainan, Henan, Beijing, Hubei, Shandong and Sichuan population, respectively. For each population, 6 male individuals were tested.

所用的 4 组引物组合中,平均每组引物组合扩
增出 145 条带,其中扩增带数最多的是 E113 &
M113,为 166 条,最少的是 E112 & M112,为 133 条,
不同引物组合扩增出的多态性条带数和多态性比例

有一定差异,最大的为 E111 & M112,平均为
88.2%,最小的为 E112 & M112,平均为 84.2%(表
3)。

表 3 应用不同引物对 7 个甜菜夜蛾种群的扩增带数

Table 3 Different primer combinations and the number of the amplified bands of
S. exigua populations collected in various locations of China

引物组合 Primer combination	扩增总带数 Total bands							多态性条带数目及多态性比例 Polymorphic bands and its proportion						
	JX	HaiN	HeN	BJ	HuB	SHD	SCH	JX	HaiN	HeN	BJ	HuB	SHD	SCH
E111&M112	24	25	23	25	19	14	14	21(87.5)	22(88.0)	21(91.3)	22(88.0)	16(84.2)	13(92.8)	12(85.7)
E112&M112	16	17	16	21	22	21	20	13(81.3)	14(82.3)	14(87.5)	18(85.7)	19(86.4)	18(85.7)	16(80.0)
E113&M113	23	24	26	23	20	24	26	17(73.9)	20(83.3)	23(88.5)	20(86.9)	17(85.0)	21(87.5)	23(88.5)
E114&M114	20	18	16	20	21	20	22	16(80.0)	16(88.9)	13(81.3)	18(90.0)	19(90.5)	18(90.0)	20(90.9)
平均 Mean	21	21	20	22	20	20	21	17(80.7)	18(85.7)	18(87.7)	20(87.6)	18(86.6)	19(88.6)	18(86.6)

不同种群的扩增产物多态性结果也不一样(表
3)。从单个种群来看,以江西种群最低,多态性条带
有 67 条,多态性比例为 80.7%; 山东种群最高,多
态性条带多达 70 条,多态性比例高达 88.6%。从所
有种群来看,种群的遗传多样性似乎与其所处的地理
位置具有一定的关系,北方种群的遗传多样性要比南
方种群的要丰富。多态性条带比例数值大小的排列顺
序依次为:山东(88.6%)> 河南(87.7%)>

北京(87.6%)> 湖北(86.6%)> 四川(86.6)> 海南(85.7%)> 江西(80.7%)。

2.2 遗传相似性分析

所得的 42 头甜菜夜蛾个体之间的遗传相似性指数(表略)分布在 0.143 – 0.824 之间 ,其中以 BJ1

和 HaiN2 个体之间的相似性指数最低 ,只有 0.143 ,而以 SCH5 和 SHD4 个体之间的相似性指数最高 ,为 0.824。单个种群不同个体间的相似性指数最小的是 BJ1 和 BJ3 ,为 0.250 相似性指数最大的为 JX4 和 JX5 ,为 0.786。

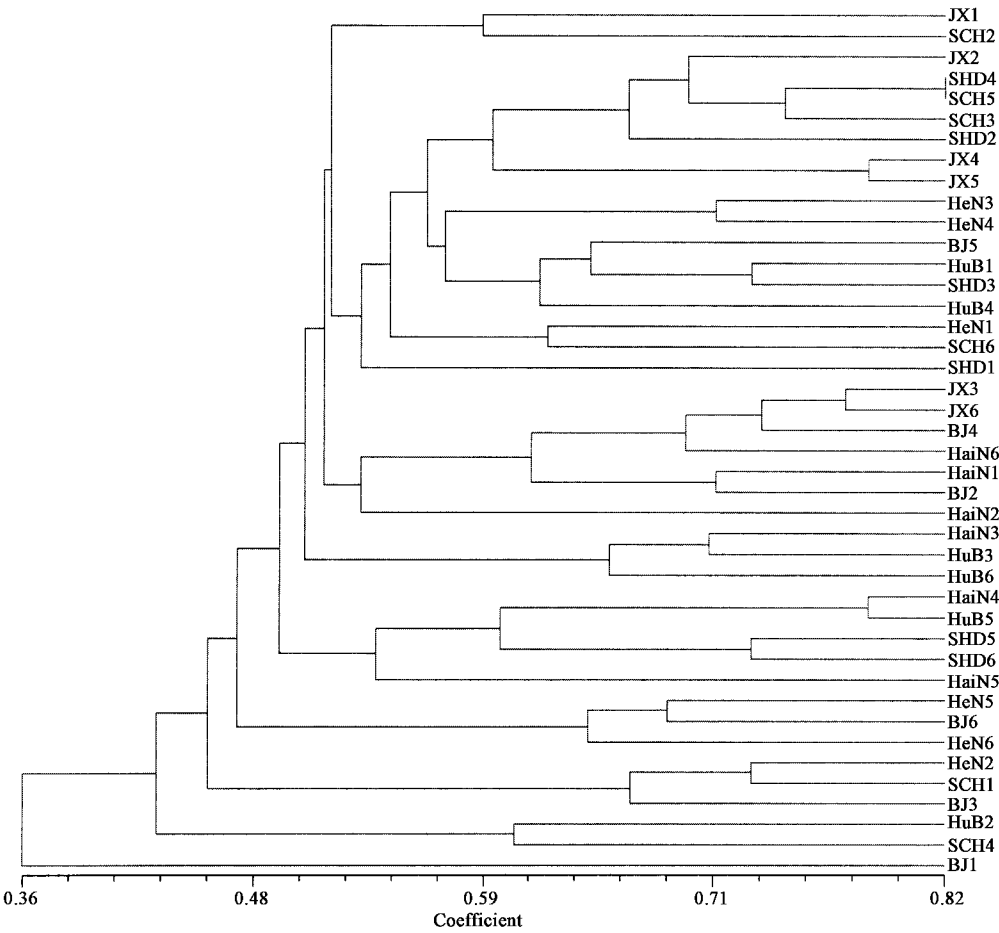


图 2 42 头甜菜夜蛾的 UPGMA 聚类图

Fig.2 The dendrogram of 42 individuals of *S. exigua* from 7 geographic populations in mainland China , as determined by UPGMA 种群代码的不同数字代表不同个体。The number following the population code represented different individual.

2.3 聚类分析

以个体间的相似性指数为依据 ,应用 UPGMA 法对 7 个甜菜夜蛾种群 42 个体进行聚类分析所绘制聚类图(图 2)可以看出 ,聚类分析法不能将任何一个种群内的个体聚集在一起或与其他种群的个体明显区分 ,海南的甜菜夜蛾个体可以和江西、湖北的个体聚集在一起 ,也可以和北京的个体聚在一块。同样 ,北京种群的个体也可以和江西、河南、四川等种群的个体聚在一起。这些结果表明 ,我国甜菜夜蛾种群间的遗传差异不明显 ,即不存在明显的地理种群分化现象。

3 讨论

本项研究所获的结果(图 1)显示 ,AFLP 指纹图谱共扩增出 580 条带 ,多态性条带为 508 条 ,平均多态性比例为 86.4%(表 3) ,证明 AFLP 技术是一种检出率很高的分子标记技术 ,适合于甜菜夜蛾及其它昆虫遗传多样性的研究。与此同时 ,所获得的结果也比较令人满意 :42 头成虫不同个体间的遗传相似性指数分布在 0.143 ~ 0.824 之间 ,单个种群不同个体间的遗传相似性指数位于 0.250 ~ 0.786 之间 ,种群内不同个体间的遗传相似性指数有许多小于不同种群个体间的。这些结果表明 ,甜菜夜蛾的遗传多

样性十分丰富,这可能是甜菜夜蛾对环境的适应能力较强,发生危害的范围广泛,并且能够经常暴发成灾的主要原因(罗礼智等,2000;江幸福等,2001)。江幸福(2004)应用 AFLP 技术对黑化型与正常型粘虫 *Mythimna separata* (Walker) 的基因多样性进行分析的结果业已表明,黑化型粘虫的基因多样性要远远低于正常型的。但在田间所发现都是正常型粘虫,而黑化型粘虫还没有见到。因此,基因多样性与种群的适应能力关系密切。

我国甜菜夜蛾的危害早在 1892 年就有发生(章士美和赵泳祥,1996)。但是,在这么悠久的发生危害史中,甜菜夜蛾并没有出现明显的地理种群或遗传分化:一个种群的个体可以与任何其它 6 个种群的个体相互聚集在一起,相同种群不同个体间的聚类与地理位置没有明显相关性(图 2),这表明我国甜菜夜蛾各个发生危害区之间存在着密切的虫源关系,或频繁的基因交流,从而阻止了地理种群的形成,而这种频繁基因交流应该是成虫的远距离迁飞引起的。这种结论与国内外目前已有的相关研究结果或结论相一致(French,1968;Johnson,1969;王睿文等,1997;苏建亚,1998;江幸福等,2001;陈丙坤等,2002;王开运等,2002;Feng *et al.*,2003)。

同理,甜菜夜蛾北方种群的遗传多样性高于南方种群的(表 3)也可以通过迁飞来解析:由于甜菜夜蛾在北方不能越冬,北方种群主要来自南方各地,不同基因型的甜菜夜蛾个体迁入后相互发生基因交流,产生杂合体的可能性会更多,遗传多样性也会较大。另外,近年来温室、大棚等设施农业的蓬勃发展,使得甜菜夜蛾在北方的越冬危害成为可能,并同时形成迁飞种群和本地种群相混合的现象,也可增加北方种群的遗传多样性。值得一提的是,海南作为一个岛屿,与大陆隔海相望,在 7 个种群中具有独特的地理位置,但在 UPGMA 聚类图中,海南种群的个体并没能聚集在一起,而是与其它种群的个体聚集在一起,表明海南种群没有因为海南独特的地理环境条件而影响到其与内地种群的基因交流。这些结果再次表明,我国甜菜夜蛾的迁飞是一种普遍的现象。

根据以上分析可以认为,甜菜夜蛾的基因多样性十分丰富,所研究的 7 个地理种群之间没有明显的地理种群或遗传分化。另外,虽然单个种群的基因多样性与其所在的地理位置没有密切的联系,但北方种群的基因多样性比南方种群的要丰富。这些可能是由于迁飞使得种群间基因交流频繁所产生的

结果。这样,本文不仅从分子遗传学的角度为甜菜夜蛾的迁飞提供了证据,而且明确了所研究的 7 个种群间存在着密切的虫源关系。这些结果为进一步研究阐明甜菜夜蛾的迁飞规律提供了初步但有力的实验依据。但是,由于本文所涉及的种群和个体数量还比较少,我国是否有甜菜夜蛾地理种群形成仍需进一步研究确定。

致谢 本实验室的江幸福博士、王高平和曹卫菊同学在实验的进行及论文的修改方面提供过帮助和建议;全国农业技术服务中心的屈西锋老师,山东农业大学的王秀国、徐蓬军,华中农业大学的吴传银、马琛、高飞、杨海生、刘子晶,江西农业大学的逢森、刘秀英,河南农业大学的李贤庆、江志伟,湖南农业科学院的刘新宇等人,在甜菜夜蛾的采集过程中给予了极大的帮助,在此表示感谢!

参 考 文 献 (References)

- Bohn M, Utz F, Melchinger AE, 1999. Genetic similarities among winter wheat cultivars determined on the basis on RFLPs, AFLPs, and SSRs and their use for predicting progeny variance. *Crop Sci.*, 39(1): 228 – 237.
- Cervera MT, Cabezas JA, Simon B, Martinez-Zapater JM, Beitia F, Cenis JL, 2000. Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. *Bull. Entomol. Res.*, 90(5): 391 – 396.
- Chen BK, Wang KY, Jiang XY, Yi MQ, 2002. Studies and surveys on the insecticide resistance of *Spodoptera exigua*. *Acta Phytophylacica Sinica*, 29(4): 366 – 370. [陈丙坤,王开运,姜兴印,仪美芹, 2002. 甜菜夜蛾抗药性调查与研究. 植物保护学报, 29(4): 366 – 370]
- Feng HQ, Wu KM, Cheng DF, Guo YY, 2003. Radar observation of the autumn migration of the beet armyworm *Spodoptera exigua* (Lepidoptera: Noctuidae) and other moths in northern China. *Bull. Entomol. Res.*, 93: 115 – 124.
- French RA, 1968. Migration of *Laphygma exigua* to the British Isles in relation to large-scale weather system. *Journal of Animal Ecology*, 38: 199 – 210.
- Jiang XF, Luo LZ, Li KB, Zhao TC, Hu Y, 2001. A study on the cold hardiness of the beet armyworm, *Spodoptera exigua*. *Acta Ecol. Sin.*, 21(10): 1 575 – 1 582. [江幸福,罗礼智,李克斌,赵廷昌,胡毅, 2001. 甜菜夜蛾抗寒与越冬能力研究. 生态学报, 21(10): 1 575 – 1 582]
- Jiang XF, Luo LZ, Hu Y, 1999. Influence of larval diets on development, fecundity and flight capacity of the beet armyworm, *Spodoptera exigua*. *Acta Entomol. Sin.*, 43(3): 270 – 276. [江幸福,罗礼智,胡毅, 1999. 幼虫食物对甜菜夜蛾生长发育、繁殖及飞行的影响. 昆虫学报, 43(3): 270 – 276]
- Jiang XF, Luo LZ, Li KB, Cao YZ, Hu Y, Liu YQ, 2002. Influences of temperature on flight capacity of the beet armyworm, *Spodoptera*

exigua. *Acta Entomol. Sin.*, 45:275 – 278. [江幸福, 罗礼智, 李克斌, 曹雅忠, 胡毅, 刘悦秋, 2002. 温度对甜菜夜蛾飞行能力的影响. *昆虫学报*, 45(2):275 – 278]

Jiang XF, 2004. The physiological and genetic characteristics of migratory behavior and genetic diversity, as determined by AFLP in the oriental armyworm, *Mythimna separata* (Walker). Ph. D. Dissertation, Chinese Academy of Agricultural Sciences. [江幸福. 2004. 粘虫迁飞行为的生理遗传特征以及遗传多样性的 AFLP 分析. 中国农业科学院博士学位论文]

Johnson CG, 1969. Migration and Dispersal of Insects by Flight. London: Methuen.

Liu WC, Jiang JY, Tang JY, Jiang JY, Wang RW, 1998. The situation and management strategy of beet armyworm *Spodoptera exigua* in China. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 14(3):41 – 42. [刘万才, 姜玉英, 汤金仪, 姜京宇, 王睿文. 1998. 我国甜菜夜蛾的发生现状 & 治理对策. *中国农学通报* 14(3):41 – 42]

Lu C, Zhao AC, Xiang ZH, Wan CL, 2002. AFLP analysis of genetic diversity of *Bombyx mandarena* in China. *Zoological Research*, 23(2):166 – 172. [鲁成, 赵爱春, 向仲怀, 万春玲, 2002. 中国野生蚕遗传多样性的 AFLP 分析. *动物学研究* 23(2):166 – 172]

Luo LZ, Cao YZ, Jiang XF, 2000. The aspect and trend of outbreak and damage of the beet armyworm *Spodoptera exigua* in China. *Plant Protection*, 26(3):37 – 39. [罗礼智, 曹雅忠, 江幸福, 2000. 甜菜夜蛾发生危害特点及其趋势分析. *植物保护* 26(3):37 – 39]

Maughan PJS, Maroof MA, Buss GR, Huestis GM, 1996. Amplified fragment length polymorphism (AFLP) in soybean: species diversity, inheritance, and near-isogenic line analysis. *Theor. Appl. Genet.*, 93:392 – 401.

Mueller U, Muller YA, Herbst-Irmer R, Sprinzl M, Heinemann U, 1999. Disorder and twin refinement of RNA heptamer double helices. *Acta Crystallogr. D Biol. Crystallogr.*, 55(8):1 405 – 1 413.

Nei M, Li WH, 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms restriction endonucleases. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 76:5 269 – 5 273.

Reineke A, Karlovsky P, Zebitz CPW, 1999. Amplified fragment length polymorphism analysis of different geographic populations of gypsy moth, *Lymantria dispar* (Lepidoptera: Noctuidiae). *Bull. Entomol. Res.*, 89(5):79 – 88.

Rohlf FJ, 1993. NTSYS – pc version 1.80. Distribution by Exeter Software. New York: Setauket.

Su JY, 1998. The migration and occurrence of *Spodoptera exigua* in China. *Entomological Knowledge*, 35(1):55 – 57. [苏建亚, 1998. 甜菜夜蛾的迁飞及在我国的发生. *昆虫知识* 35(1):55 – 57]

Vos P, Hogers R, Blecker M, Reijmans M, van de Lee T, Horness M, Frijters A, Pot J, Peleman J, Kuiper M, Zabeau M, 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Res.*, 23(21):4 407 – 4 414.

Wang RW, Jiang JY, Li YS, Chen GS, Feng SY, Zhao YZ, 1997. The outbreak and control of beet armyworm, *Spodoptera exigua*. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 12(Special issue):153 – 156. [王睿文, 姜京宇, 李永山等. 1997. 甜菜夜蛾暴发原因剖析及其防治的研究. *华北农学报*, 1X 专辑):153 – 156]

Wang KY, Jiang XY, Yi MQ, Chen BK, Xia XM, 2002. Insecticide resistance and mechanism in *Spodoptera exigua*. *Acta Phytophylacica Sinica*, 29(3):229 – 234. [王开运, 姜兴印, 仪美芹, 陈丙坤, 夏晓明, 2002. 甜菜夜蛾抗药性及其机理. *植物保护学报* 29(3):229 – 234]

Zabeau M, Vos P, 1993. Selective restriction fragment amplification, a general method for DNA fingerprinting. European Patent Application 92402629.7 (Pub. No. 0534858A1).

Zhang LP, Zhang YJ, Zhang WJ, Xu BY, Wu QJ, Xiao LF, Zhu GR, 2004. Genetic differentiation in the thiamethoxam-resistant strain of *Bemisia tabaci* biotype. *Acta Entomol. Sin.*, 47(6):754 – 759. [张丽萍, 张友军, 张文吉, 徐宝云, 吴青君, 肖利峰, 朱国仁, 2004. B 型烟粉虱抗噻虫嗪品系的遗传分化. *昆虫学报* 47(6):754 – 759]

Zhang MZ, Kang L, 2002. Amplified fragment length polymorphism (AFLP) and its application in entomological research. *Acta Entomol. Sin.*, 45(4):538 – 543. [张民照, 康乐, 2002. AFLP 标记的特点及其在昆虫学研究中的应用. *昆虫学报* 45(4):538 – 543]

Zhang SM, Zhao YX, 1996. The Geographical Distribution of Agricultural and Forest Insects in China. Beijing: China Agricultural Press. [章士美, 赵泳祥, 1996. 中国农林昆虫地理分布. 北京: 中国农业出版社]

Zhu YF, Tan YD, Wan CL, 2001. Construction of AFLP linkage map of the silkworm. *Acta Entomol. Sin.*, 45(4):538 – 543. [朱玉芳, 谭远德, 万春玲, 2001. 家蚕 AFLP 连锁框架图谱的构建. *昆虫学报* 44(4):483 – 493]

(责任编辑: 袁德成)